

Utilidad del MALDI-TOF para la rápida identificación de bacterias

MÓNICA ALEJANDRA PRIETO

Bacteriología Especial, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

mprieto@anlis.gob.ar

En la microbiología clínica tradicional, la identificación bacteriana se realiza mediante pruebas bioquímicas convencionales o métodos fenotípicos automatizados. Los resultados pueden ser obtenidos a las 24-48 h; sin embargo, pueden requerir varios días y semanas si el microorganismo es inusual o si la muestra es polimicrobiana. En el siglo XXI, el avance de la genómica contribuyó al estudio de diversos microbiomas y a la descripción de numerosos géneros y especies bacterianas nuevas e impulsó reclasificaciones taxonómicas constantes. Actualmente, para la identificación precisa de ciertos patógenos, la caracterización fenotípica convencional es insuficiente y son necesarios métodos moleculares complementarios, los cuales son costosos y requieren de personal altamente entrenado. Desde el punto de vista clínico, el impacto de la identificación bacteriana precisa y veloz es la implementación de una antibioticoterapia dirigida, lo cual contribuye a la racionalización en el uso de las drogas, que es un imperativo en la actual crisis global de la resistencia a los antibióticos. La espectrometría de masas por MALDI-TOF ha cambiado la práctica de rutina de la microbiología al permitir la identificación bacteriana oportuna, precisa y rentable. Es un método técnicamente sencillo y permite el análisis de una gran cantidad de aislamientos a la vez. El nivel de precisión de la identificación es comparable al obtenido por el método patrón de oro que es la secuenciación del gen que

codifica para la subunidad 16S del ribosoma bacteriano. MALDI-TOF permite la identificación de género y especie en tres minutos a partir de una colonia y en veinte minutos a partir de una muestra monomicrobiana. A partir de colonias aisladas, es posible identificar hasta 95 aislamientos bacterianos en noventa minutos. La identificación se lleva a cabo mediante el análisis de proteínas, principalmente ribosomales, a través de la creación de un espectro de masas que es específico para cada género y especie. El espectro obtenido es comparado con los espectros de referencia de las bases de datos de las plataformas MALDI-TOF comerciales y en base a la similitud de los picos proteicos, se asigna un valor de puntuación o nivel de confianza a cada coincidencia. Las bases de datos se comercializan como parte de un sistema patentado y son construidas y mantenidas por los fabricantes, pero se pueden agregar espectros y construir bases de datos personalizadas, lo cual es importante para mejorar el desempeño de las plataformas y para realizar análisis comparativos más profundos con fines epidemiológicos. En Argentina se han desarrollado numerosas bases de datos complementarias y también es el único país que forma parte de la base de datos internacional de libre acceso coordinada por el Centro para el Control de Enfermedades de los Estados Unidos. El avance de la inteligencia artificial, principalmente en el área de algoritmos de aprendizaje automático, y el desarrollo de herramientas bioinformáticas, permitió otras aplicaciones de MALDI-TOF, como la detección de resistencia a los antimicrobianos o la rápida detección de cepas toxigénicas, a partir de una colonia o incluso de muestras como hemocultivos. También fue aplicada para la sub-tipificación bacteriana, lo cual podría ayudar a la rápida detección de brotes. En Argentina se están realizando varias investigaciones sobre el potencial emergente de esta tecnología, como el análisis del peptidoma en muestras de plasma de pacientes sépticos para la detección de biomarcadores que puedan predecir

rápidamente el estadio y la evolución durante el proceso de sepsis. También se están desarrollando modelos matemáticos que permitan utilizar MALDI-TOF para la identificación de artrópodos, utilizando muestras enteras o de parte del cuerpo de la garrapata para la rápida identificación de especies y para la detección de vectores infectados con especies de *Rickettsia*. MALDI-TOF revolucionó la microbiología y siendo accesible al laboratorio clínico está continuamente redefiniendo escenarios epidemiológicos, aunque aún quedan muchas potenciales aplicaciones por explorar.

Palabras clave: espectrometría de masas, MALDI-TOF, Identificación bacteriana.